



EXPEDEIÇÕES DE COLETAS DE FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris*) NO BRASIL.

Joaquim Geraldo Cáprio da Costa; Carlos Martins Santiago; Jaison Pereira de Oliveira;
Alessandra da Cunha Moraes
Embrapa – CNPAF, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil

Resumo: Objetivando a preservação da diversidade genética ainda existente entre os agricultores tradicionais de feijão comum, foram realizadas expedições de coleta na Região Norte do Rio Grande do Sul e nos Estados de Sergipe, Bahia e Ceará.

Palavras-chave: conservação, variabilidade, variedades tradicionais

Introdução

Os agricultores têm manejado os recursos genéticos desde que começaram a cultivar as plantas, desenvolvendo estratégias para atender suas necessidades e sistemas de produção, e quase todas essas estratégias preservam a diversidade genética. Ao invés de usar uma única variedade, os agricultores obtêm uma maior segurança e estabilidade de produção utilizando uma mistura de genótipos. Para eles, a diversidade genética significa segurança contra estresses bióticos e abióticos. A utilização do material genético próprio contribui para que a produtividade seja baixa, porém, garante estabilidade na produtividade e é uma excelente fonte de variabilidade genética. A valorização de determinados tipos específicos de grão para a comercialização, tem causado a perda dessa variabilidade genética. Atualmente, com o surgimento de demandas por uma agricultura sustentável, tem havido crescente reconhecimento dos acervos mantidos por pequenos agricultores. A manutenção e exploração dessa variabilidade genética dependem da coleta, introdução, manutenção, caracterização e avaliação dessas variedades tradicionais.



Material e Métodos

Na organização das expedições de coleta é essencial conhecer as instituições atuantes nas regiões nas quais elas são realizadas. Essas instituições possuem informações quanto às regiões onde é realizado o cultivo do feijão comum, fornecem roteiros, nome de produtores e, na maioria das vezes, disponibilizam técnicos que acompanham as coletas, dando uma inestimável colaboração ao sucesso das expedições. As expedições de coleta foram realizadas na Região Norte do Rio Grande do Sul e nos Estados de Sergipe, Bahia e Ceará (Tabela 1).

TABELA 1. Informações das expedições de coletas de feijão comum realizadas na Região Norte do Rio Grande do Sul, Sergipe, Bahia e Ceará.

Período	Estado	Nº de Municípios	Nº agricultores	Nº acessos
04 a 14 / 01 / 2010	RS	18	51	124
19 / 09 a 02 / 10 / 2010	SE e BA	9 SE e 7 BA	33 SE e 35 BA	93 SE e 73 BA
30 / 10 a 06 / 11 / 2011	CE	4	6	28
26 / 02 a 03 / 03 / 2012	BA	6	24	51

Nessas expedições houve a colaboração da EMATER (RS), Embrapa Trigo (RS), EMDAGRO (SE), Embrapa Tabuleiros Costeiros (SE), EBDA (BA), Embrapa Meio Norte (PI) e EMATERCE (CE).

Nas expedições de coleta foram obtidas informações como o nome do agricultor, tempo em que planta a variedade, onde foi obtida a semente, motivo do seu cultivo, características da variedade que o agricultor julga de importância, comercialização e todas as demais informações que podem enriquecer o conhecimento da variedade. Foram feitas coletas diretamente nas lavouras, sendo colhidas de 30 a 50 vagens por variedade. Também, foram coletadas sementes guardadas em paixões, galpões, sacarias e em garrafas plásticas de refrigerantes, em feiras livres, mercados públicos e cerealistas. Nessas condições o tamanho da amostra variou de 200 a 400 de sementes por variedade. Todos os acessos foram geo-referenciados com a utilização de receptor GPS, possibilitando a identificação, cadastramento e o mapeamento das informações. Com base nesses dados, foi montado um sistema, utilizando o software ARCGIS 10, que permite realizar constante atualização e

monitoramento das informações espacializadas. Na Figura 1 é demonstrado o mapeamento referente à expedição de coleta realizada na Região Norte do Estado do Rio Grande do Sul.

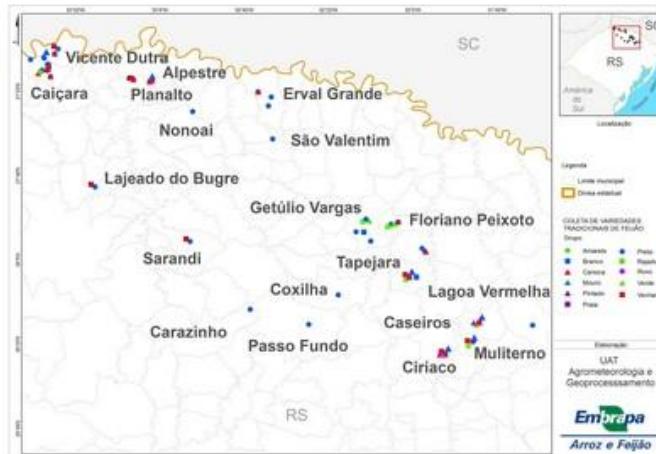


FIGURA 1. Cartograma da expedição de coleta de feijão comum realizada na Região Norte do Rio Grande do Sul.

Resultados e Discussão

Foi percorrido um total de 44 municípios, visitados 149 agricultores e coletadas 369 variedades tradicionais (Tabela 1). Foram encontradas variedades tradicionais constituídas por mistura de tipos de grão. Para a exportação aos centros maiores de consumo essas variedades não têm aceitação, entretanto os agricultores as plantam para o consumo familiar e venda em feiras locais, onde têm grandes demanda para o consumo em “pratos tradicionais”. Agronomicamente essa mistura permite a utilização da diversidade genética visando minimizar os problemas causados pelos estresses bióticos e abióticos. Por informação dos agricultores, até a década de 80 o feijão comum que mais cultivavam era do tipo de grão mulatinho e preto. Posteriormente, o governo distribuiu sementes de cultivares com tipo de grão carioca, pelo qual os atravessadores (compradores junto aos agricultores) pagam melhor preço. Os agricultores cultivam para consumo próprio variedades tradicionais como gurgutuba (mouro graúdo), mulatinho, manteigão e preto, entre outros, e para a possível venda, cultivares com tipo de grão carioca.

No Estado do Ceará o cultivo do feijão comum é realizado apenas nas regiões mais elevadas, com uma altitude em torno de 900 m, como a Região Norte (Região de Sobral),



na Serra de Ibiapaba. Um dos motivos dessa regionalização do cultivo é a ocorrência de baixa temperatura noturna entre 10º a 15°C. Na região da Caatinga, em que a temperatura noturna é mais elevada, não foi encontrado o feijão comum, apenas caupi e fava.

Conclusão

Como resultado de mudanças nas condições sócio-econômicas e a valorização de determinados tipos de grão para a comercialização do feijão comum, a variabilidade genética tradicionalmente cultivada pelos agricultores tem sido perdida. Para muitos agricultores, a diversidade genética significa segurança contra as pragas, doenças e condições climáticas adversas inesperadas. Para o patrimônio genético brasileiro essa diversidade deve ser conservada e preservada para eventuais usos futuros. Por essas razões, a coleta, manutenção, exploração e uso dessa variabilidade genética deve ser uma prioridade nas pesquisas com recursos genéticos.